

УДК 595.754.1 : 57.082.132

## ТАКСОНОМИЧЕСКИЕ РЕВИЗИИ И КОЛЛЕКЦИОННЫЕ БАЗЫ ДАННЫХ В ЭПОХУ ИНТЕРНЕТА: ОПЫТ РАБОТЫ С БОГАТОЙ ВИДАМИ ГРУППОЙ НАСЕКОМЫХ

© 2019 г. Ф. В. Константинов,<sup>1,2\*</sup> А. А. Намятова<sup>3\*\*</sup>

<sup>1</sup> Санкт-Петербургский государственный университет  
Университетская наб., 7/9, С.-Петербург, 199034 Россия

<sup>2</sup> Зоологический институт РАН  
Университетская наб., 1, С.-Петербург, 199034 Россия

\*e-mail: f.konstantinov@spbu.ru

<sup>3</sup> Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений РАН  
Подбельского ш., 3, Пушкин, С.-Петербург, 196608 Россия

\*\*e-mail: anna.namyatova@gmail.com

Поступила в редакцию 28.04.2019 г.

После доработки 11.05.2019 г.

Принята к публикации 11.05.2019 г.

Сформированные в ходе трех столетий исследований и сборов энтомологические коллекции музеев мира – ключ к пониманию биоразнообразия и бесценные прямые сведения о распространении и биологии насекомых. Однако значительная часть коллекционных фондов остается не каталогизированной и, соответственно, недоступной для полноценного анализа. Таксономические ревизии любой группы животных или растений подразумевают синтез всей информации о таксоне. Этот синтез значительно выиграет от использования всех современных информационных технологий. Реляционная база данных экземпляров Arthropod Easy Capture (AEC) – удобный инструмент хранения и обобщения данных. Наш многолетний опыт ее использования при подготовке таксономических ревизий может служить иллюстрацией значительного упрощения работы над ревизиями и описаниями видов за счет ускорения работы с этикеточными данными, быстрого построения карт распространения, компиляции данных о кормовых растениях и обеспечения легкого доступа к первичным данным для других исследователей. Кроме того, база данных музейных экземпляров предоставляет обширные возможности для биогеографических и коэволюционных исследований.

*Ключевые слова:* базы данных, энтомологические коллекции, систематика, кибертаксономия, ревизии, биогеография, кормовые связи.

DOI: 10.1134/S0367144519020102

Роль таксономических коллекций в биологических исследованиях невозможно переоценить. Это ключевой источник информации о животных и растениях настоящего и прошлого, незаменимый в таксономических, эволюционных и биогеографических исследованиях, прикладных работах по сохранению биоразнообразия и анализу распространения адвентивных видов (Vollmar et al., 2010; Blagoderov et al., 2012; Bik, 2017).

Стремительное развитие цифровых технологий в последние 25 лет кардинально изменило стиль работы систематиков. Быстрее и проще стали поиск и анализ необходимой литературы, получение и обработка высококачественных изображений внешнего вида и деталей строения, создание описаний таксонов и многие другие аспекты таксономической работы. Определение, описания, ревизии, синтез информации в монографиях, аннотированных списках флоры и фауны, интерпретация данных в свете филогенетических и биогеографических гипотез стали значительно эффективнее благодаря развитию биоинформационных технологий. Появились и совершенно новые возможности, в частности, связанные с анализом больших массивов данных оцифрованных музейных коллекций в экологических и эволюционных исследованиях (Soltis, Soltis, 2016), 3D моделированием (Ströbel et al., 2018) и многими другими формами работы.

Неудивительно, что проекты по оцифровке коллекционных материалов стали появляться практически одновременно с рождением соответствующих цифровых технологий (Peterson et al., 2010). Для ведения и организации коллекций и предоставления онлайн-доступа к оцифрованным данным разработано немало приложений, например, Arctos (<https://arctosdb.org/>), Arthropod Easy Capture (<https://sourceforge.net/projects/arthropodeasy/>), EMu (<https://emu.axiell.com/>), Papis (<http://www.papis.dk/>), SilverBiology (<http://www.silverbiology.com/>), Specify (<https://www.sustain.specifysoftware.org/>), Symbiota (<http://symbiota.org/>). Естественно, оцифрованная база данных отдельного музея лишь в редких случаях может хранить исчерпывающую информацию по тому или иному таксону, что делает критически важными стандартизацию данных и их объединение на сайтах-агрегаторах. Практически универсально используемым в коллекционных базах стал стандарт Darwin Core (<https://dwc.tdwg.org/>), а основными агрегаторами – Global Biodiversity Information Facility (GBIF, <https://www.gbif.org/>) и Integrated Digitized Biocollections (iDigBio, <https://www.idigbio.org/>), содержащие информацию об обширном материале из 1143 учреждений (Funk, 2018).

Тем не менее, большая часть относящихся к коллекционным экземплярам данных остается неоцифрованной и, соответственно, недоступной для полноценного анализа (Blagoderov et al., 2012). При этом охват отдельных таксонов и музеев электронными базами данных остается крайне неравномерным. Число хранящихся в естественных музеях мира экземпляров оценивают в 1.2–2.0 миллиарда единиц хранения (Ariño, 2010), при этом насекомые, в отличие от позвоночных, представлены в базах данных крайне фрагментарно. Так, только 7 % доступных через GBIF в 2016 г. данных относятся к насекомым, притом что эта группа составляет более 75 % видов и экземпляров в музейных коллекциях (Sikes et al., 2016).

Анонсированные в ряде крупных музеев амбициозные программы по оцифровке коллекционных фондов пока далеки от завершения. Так, в Музее естественной истории в Лондоне (Natural History Museum, London) в 2014 г. запущен проект по оцифровке каждого из 80 млн хранящихся здесь экземпляров животных и растений, рецентных и ископаемых. По данным портала музея (<http://data.nhm.ac.uk/>), к марту 2019 г. доступны онлайн записи о 4.25 млн. экз., что составляет чуть более 5 % от общего числа единиц хранения. Нидерландская национальная коллекция в лейденском музее «Натуралис» (Naturalis Biodiversity Center, Leiden, the Netherlands) насчитывает 34 млн. единиц хранения, более половины из них составляют насекомые. Масштабная оцифровка всей коллекции началась в 2010 г., и к настоящему моменту обработано 4 млн. экз. (<http://biportal.naturalis.nl/>).

Можно условно выделить две основные стратегии при формировании коллекционных баз данных: работу с каждым экземпляром отдельно и фотографирование сразу целого энтомологического ящика или планшета с препаратами (Short et al., 2018).

Первый, традиционный подход к оцифровке коллекции (SLDC, specimen-level data capture) предполагает этикетирование каждого экземпляра уникальным идентификатором и последующий ручной ввод в базу данных таксономической, географической и другой относящейся к экземпляру информации. Реализовать его в сколько-нибудь приемлемые сроки для значительной по объему коллекции не представляется возможным даже при наличии значительных денежных средств, времени и множества специалистов. По оценке Шорта с соавт. (Short et al., 2018), за последние 20 лет таким образом было оцифровано менее 2 % от общего числа хранящихся в музеях мира экземпляров насекомых. В то же время SLDC остается золотым стандартом при выборочной оцифровке части коллекции, например, отдельных таксонов, с которыми в данный момент работает исследователь, или типовых экземпляров.

Стремление к полной обработке всей коллекции «от стенки до стенки» в последние годы привело к интенсивному развитию второго подхода – фотографированию всего ящика (WDI, whole-drawer imaging). «Индустриальные» методы оцифровки предполагают использование специализированных сканеров, например SatScan (Mantle et al., 2012; Allan et al., 2019) или GigaPan (Bertone et al., 2012), для получения изображения всего ящика с насекомыми или лотка с препаратами в высоком разрешении с последующим распознаванием и каталогизацией отдельных экземпляров при помощи специализированного программного обеспечения, например Insect (Hudson et al., 2015).

При всех преимуществах в скорости и экономичности подобная автоматизация несет и определенные риски. В любой естественнонаучной коллекции хранится немало неопределенного или неправильно определенного материала. Так, из 4500 экз. африканского рода растений *Aframomum* (Zingiberaceae), хранящихся в 40 гербариях 21 страны, 58 % оказались определены только до рода или неправильно (Goodwin et al., 2015). Сходным образом при подготовке ревизии рода *Euscelidia* Westwood (Diptera, Asilidae) оказалось, что только 26 % экземпляров в коллекциях мира были определены до вида, причем 83 % из них – неверно (Meier, Dikow, 2004). Использование некритично оцифрованных коллекционных данных при моделировании экологической ниши, биогеографическом анализе и в любых других исследованиях, оперирующих «большими данными», может привести к значительным ошибкам (Peterson et al., 2010).

В отечественных музеях проекты полной оцифровки коллекционных фондов выглядят заведомо нереалистичными. Однако ничто не препятствует оцифровке коллекций и активному использованию новых информационных технологий в повседневной таксономической практике, например, при подготовке ревизий, определительных таблиц или обобщении данных о распространении.

Хотя практически все современные издания доступны в электронной форме, они во многом сохраняют традиционную для бумажных версий структуру, а подготовка статей порой не сильно отличается от традиций доцифровой эпохи (Clark et al., 2008; Miller et al., 2012). В частности, перечни исследованного материала, включая места сборов, чаще всего набираются в текстовом виде и каждый раз заново, практически так же, как во времена печатных машинок. При этом поиск координат мест сбора, нередко общих для разных групп организмов, проводится каждым автором независимо,

а карты распространения публикуются в виде растровых изображений, что затрудняет их использование другими учеными. Иллюстрации диагностических признаков и другая сопутствующая информация чаще всего доступны читателю лишь в характерных для pdf-файлов объеме и разрешении, хотя дополнительные материалы легко предоставить, разместив их в соответствующих электронных ресурсах (см., например, Ang et al., 2013; Miller et al., 2014).

Таксономические ревизии любой группы животных или растений подразумевают синтез всей информации о таксоне. Этот синтез значительно выиграет от использования современных информационных технологий и сделает результаты доступными для биологов других специальностей, а таксономию – по-настоящему междисциплинарной (Meier, Dikow, 2004; Johnson, 2007; Beaman, Celinesse, 2012; Bik, 2017; Funk, 2018; Short et al., 2018). Данный подход, получивший название «кибертаксономия» (Wheeler, 2007; Miller et al., 2012), благодаря сочетанию традиционных таксономических целей с современными цифровыми технологиями, получает все большее развитие в современной таксономической литературе. Представленная статья основана на многолетнем опыте ведения иллюстрированной и доступной в Интернете базы данных по ревизируемым группам клопов-слепняков (Heteroptera: Miridae) и может продемонстрировать преимущества кибертаксономического подхода в таксономических исследованиях.

#### КЛОПЫ-СЛЕПНЯКИ (HETEROPTERA: MIRIDAE) КАК МОДЕЛЬНАЯ ГРУППА

Клопы-слепняки (Heteroptera: Miridae) – крупнейшее и всесветно распространенное семейство настоящих полужесткокрылых, насчитывающее более 11 000 видов (Cassis, Schuh, 2012). Среди насекомых с неполным превращением это семейство уступает по числу видов только цикадкам (Cicadellidae). Слепняки заселяют все ярусы растительных сообществ и играют большую роль как фито-, зоо- и фитозоофаги. Среди фитофагов в этом семействе есть серьезные вредители сельскохозяйственных культур и лесных насаждений. Слепняки – теплолюбивая группа, в типичных биоценозах Средней Азии и Кавказа составляющая около половины общего числа видов полужесткокрылых насекомых. Эволюционный успех группы, очевидно, во многом обусловлен тесными трофическими связями и параллельной эволюцией с семенными растениями. Виды ряда крупных и распространенных почти исключительно в высокогорьях и среднегорьях Кавказа и Средней Азии мирмекоморфных таксонов, таких как роды *Myrmecophyes* Fieber и *Scirtetellus* Reuter, имеют небольшие ареалы с повторяющимися паттернами распространения и превосходно подходят для анализа с позиций викариантной биогеографии. Таким образом, слепняки могут служить хорошей модельной группой при описании значительной части разнообразия биоты в наземных экосистемах и использоваться в широком круге исследований общепроизводственного характера, прежде всего эволюционных, биогеографических и экологических.

Решение теоретических вопросов в области зоогеографии, филогении и эволюции требует прежде всего знания видового состава систематической группы организмов в пределах природного региона. В то же время степень изученности как палеарктической, так и мировой фауны клопов-слепняков оставляет желать лучшего. Трудности в исследовании этой группы обусловлены огромным числом видов, отсутствием адекватных диагнозов многих родов, значительным полиморфизмом ряда видов и сложностью видовой диагностики. Достаточно отметить, что только за последние 20 лет в мировой фауне было описано чуть менее 1000 новых видов этого семей-

ства (Schuh, 1995; Cassis, Schuh, 2012). При этом многие, особенно опубликованные в XIX – первой половине XX в. таксономические статьи представляют собой описания, выполненные без четкого видового диагноза и обоснования родовой принадлежности. Соответственно, определение даже до родового уровня по разрозненным описаниям нередко оказывается затруднительным, часть видов известна только по типовой серии, их распространение и кормовые связи исследованы лишь фрагментарно. Слепняки Палеарктики изучены лучше, чем в других регионах, однако и здесь сравнительно хорошо известна только довольно бедная фауна Северной и Центральной Европы. Однако Miridae – теплолюбивая группа, и в то время как для всей европейской части России, включая Предкавказье, известно 386 видов, для фауны Средней Азии в настоящее время приведено более 700 видов клопов-слепок (Kerzhner, Josifov, 1999; Konstantinov, Namyatova, 2008, 2009).

Разносторонний анализ материала по значительному числу видов – трудная задача, и многие исследователи ограничивают работу изучением региональных фаун, что приводит к обильной синонимии на видовом и родовом уровнях (Schuh et al., 1995; Schuh, 2001; Konstantinov, 2016). Выходом из сложившейся ситуации могут стать последовательное выявление монофилетических групп надродового и родового ранга и их полные ревизии. Выполнение подобных масштабных исследований можно проводить гораздо быстрее, если обеспечить легкий доступ к результатам работы широкому кругу исследователей путем создания доступной через Интернет базы данных.

Традиционные таксономические описания зачастую недостаточны для уверенного определения видовой принадлежности экземпляров без исследования типовой серии. В связи с этим наш подход предполагает создание детальных и структурированных описаний, всегда снабженных подробными иллюстрациями всех таксономически важных структур как самцов, так и самок. Иллюстративный материал включает цифровые фотографии и изображения, полученные с помощью сканирующего электронного микроскопа, в высоком качестве доступные не только в напечатанной версии статьи, но и в Интернете.

#### БАЗА ДАННЫХ ЭКЗЕМПЛЯРОВ ЭНТОМОЛОГИЧЕСКОЙ КОЛЛЕКЦИИ

Используемая нами база данных была создана в рамках масштабной программы Национального научного фонда США «Инвентаризация биоразнообразия планеты» (Planetary Biodiversity Inventory, PBI) в 2003–2008 гг. Проект под руководством Рэндалла Шу из Американского музея естественной истории (Randall Schuh, American Museum of Natural History) и Герасимоса Кассиса из Университета Нового Южного Уэльса (Gerasimos Cassis, University of New South Wales) был сфокусирован на таксономической обработке монофилетической группы, объединяющей два крупных подсемейства клопов-слепок – Phylinae и Orthotylinae.

Приложение, в настоящее время носящее название Arthropod Easy Capture Specimen Database (АЕС), было разработано как серверная, реляционная и многопользовательская база данных на основе MySQL с вводом данных через Интернет и написанном на языке PHP веб-интерфейсом (Cassis et al., 2007; Schuh et al., 2010; Schuh, 2012). Она была успешно использована при обработке коллекций подсемейств Phylinae и Orthotylinae Американского музея естественной истории, Национальной коллекции Канады, Австралийского музея в Сиднее и других ведущих музеев мира в рамках проекта PBI и постоянно дополняется международным коллективом гемиптерологов при

работе над таксономическими проектами по слепнякам и другим семействам полужесткокрылых. Участвуя в проекте PBI, авторы данной статьи использовали базу данных при обработке фондовой коллекции Phylinae и Orthotylinae Зоологического института РАН (ЗИН), введя в нее информацию о 92 000 экземпляров, относящихся к этим подсемействам.

Это же приложение стало основой при создании базы данных Apoidea Американского музея естественной истории (<https://www.amnh.org/our-research/invertebrate-zoology/resources/collections-databases/bee-database-project>), трофической базы данных Северной Америки по растениям, их фитофагам и паразитоидам (Tri-Trophic Thematic Collection Network, <http://tcn.amnh.org/>) и в ряде других проектов. АЕС – программное обеспечение с открытым исходным кодом, доступное для скачивания и использования (<https://sourceforge.net/projects/arthropodeasy/>). Структура базы данных АЕС описана в статьях Шу с соавт. (Schuh et al., 2010; Schuh, 2012), и в этой статье мы остановимся лишь на основных ее особенностях.

При создании и последующем ведении коллекционной базы данных необходимо предусмотреть возможность изменения и дополнения информации по каждому экземпляру и, наоборот, быстрого поиска уже введенной информации в общем массиве базы данных. Соответственно, экземпляр должен быть снабжен небольшой этикеткой – уникальным идентификатором экземпляра (USI, unique specimen identifier). В нашем случае каждая уникальная этикетка имеет 16-значный цифро-буквенный код, дублированный машиночитаемым баркодом (рис. 1, 2). Музейные коды для каждого экземпляра довольно давно используется исследователями позвоночных, палеонтологами и, отчасти, ботаниками (Schuh, 2012), но пока это не стало стандартом в энтомологических работах, в значительной степени из-за обширности коллекционных фондов насекомых. Тем не менее, наличие уникального кода – единственный способ надежной связи конкретного экземпляра со всей информацией о нем, будь то полевые записи, особенности биологии, секвенированные последовательности ДНК, фотографии или рисунки деталей строения.

База данных АЕС имеет три основных пользовательских веб-интерфейса: это режимы ввода данных (museum mode), редактирования (edit mode) и отчета (report mode). Первый режим (рис. 3) подразделен на 5 независимо заполняемых блоков: таксономическая информация (taxon information), место сбора (locality information), дата сбора и имя сборщика (collection event), информация о конкретном экземпляре (specimen information), хозяевах или кормовых растениях (host information). Блочная организация веб-интерфейса значительно ускоряет ввод данных. Так, при введении в базу данных серии экземпляров одного вида с идентичными этикеточными и другими относящимися к сбору данными достаточно набрать в соответствующие поля первый и последний номер USI-этикеток серии. Изменение любого параметра у следующего вносимого в базу данных экземпляра, например, даты сбора, определения или кормового растения, не потребует изменения заполненных для предыдущих экземпляров полей. Более того, организация реляционной базы данных предполагает однократный ввод большей части информации, такой как название вида, место сбора, дата и фамилия сборщика, кормовое растение и др. Например, любая уже имеющаяся в базе точка сбора может быть быстро найдена с помощью опции «find locality» и автоматически подставлена в соответствующие поля.



Подавляющее большинство экземпляров из коллекции ЗИН было этикетировано без указания координат места сбора, и нередко их поиск сопряжен со значительными сложностями. Тем не менее, мы старались найти и внести в базу данных координаты во всех случаях, когда это было возможно. Этот подход требует значительной затраты времени на начальном этапе, но значительно упрощает и ускоряет работу в дальнейшем, особенно по сравнению с традиционным перепечатыванием этикеточных данных в таксономических ревизиях, не предполагающим возможности повторного использования данных. Точки сбора палеарктических клопов-слепняков из фондовой коллекции ЗИН показаны на рис. 4.

Режим редактирования (рис. 5) предоставляет удобный доступ ко всем вхождениям базы данных. Это позволяет быстро редактировать и дополнять формы для отдельных экземпляров или их групп, отвечающих критерию поиска, добавлять фотографии внешнего вида или отдельных структур, данные о секвенированных последовательностях ДНК, результаты измерений и другую информацию об экземплярах. Сходным образом этот режим позволяет вносить изменения и дополнения в формы таксономических данных, мест и дат сбора, хозяев, сборщиков и другую информацию.

Режим отчета позволяет пользователям создавать сложные запросы по всему массиву данных. Один из вариантов подобного запроса представлен на рис. 6. Так как одной из важных задач, стоявших перед создателями базы данных, было упрощение и ускорение подготовки таксономических ревизий, режим отчета позволяет автоматически генерировать списки исследованного материала по каждому виду в нескольких вариантах форматирования (рис. 7) и сразу помещать их в статью. Предусмотрены также вывод координат мест сбора нужного в данный момент таксона в формате, используемом всеми основными картографическими приложениями, автоматическое создание и вывод на печать нужных географических этикеток и другие упрощающие работу систематика функции.

#### ИСПОЛЬЗОВАНИЕ БАЗЫ В ПОВСЕДНЕВНОЙ ТАКСОНОМИЧЕСКОЙ ПРАКТИКЕ И ОТОБРАЖЕНИЕ ДАННЫХ В ИНТЕРНЕТЕ

Описанные выше архитектура и возможности АЕС базы данных доступны работающим с ней пользователям, имеющим права доступа. Однако одна из основных целей работы с ней заключается в доступности данных для использования систематиками, биогеографами и экологами. Свободное получение первичной информации и визуализация данных из базы АЕС реализованы несколькими способами.

Во-первых, данные становятся мгновенно доступными через интерфейс сайта Heteroptera Species Pages (<http://research.amnh.org/pbi/heteropterasespeciespage/>), где для отображения всех данных и иллюстраций по конкретному виду достаточно ввести видовое название в поисковую строку. Во-вторых, данные АЕС периодически экспортируются и становятся доступными через интерфейс сайта Discover Life (<https://www.discoverlife.org/>), обладающего удобными и интуитивно понятными возможностями по отображению обобщенных html-страниц, фотографий и карт распространения для каждого вида.

Подготовленные нами на протяжении последних 10 лет таксономические ревизии отдельных таксонов из подсемейств *Phylinae* и *Orthotylinae* (например, Konstantinov, 2008a, 2008b, 2008e; Namyatova, Konstantinov, 2009; Namyatova 2010; Konstantinov, Vinokurov, 2011), а также других подсемейств клопов-слепняков (Konstantinov,



Рис. 1, 2. Использование этикеток с машиночитаемыми кодами при подготовке ревизии рода *Camptotylus* Fieber (Konstantinov, 2008a).

1 – общий вид коллекционного ящика ЗИН, 2 – серия экземпляров с USI-этикетками.





Рис. 1, 2 (продолжение).

Рис. 3. Веб-интерфейс ввода данных (museum mode) реляционной базы АЕС. Показан ввод 8 самцов *Agraptocoris nigrisetosus* Konstantinov, 2019, собранных И. М. Кержнером в 35 км Ю Бу-Цагана (Монголия, Баян-Хонгорский аймак) на полыми 10.VII.1970.



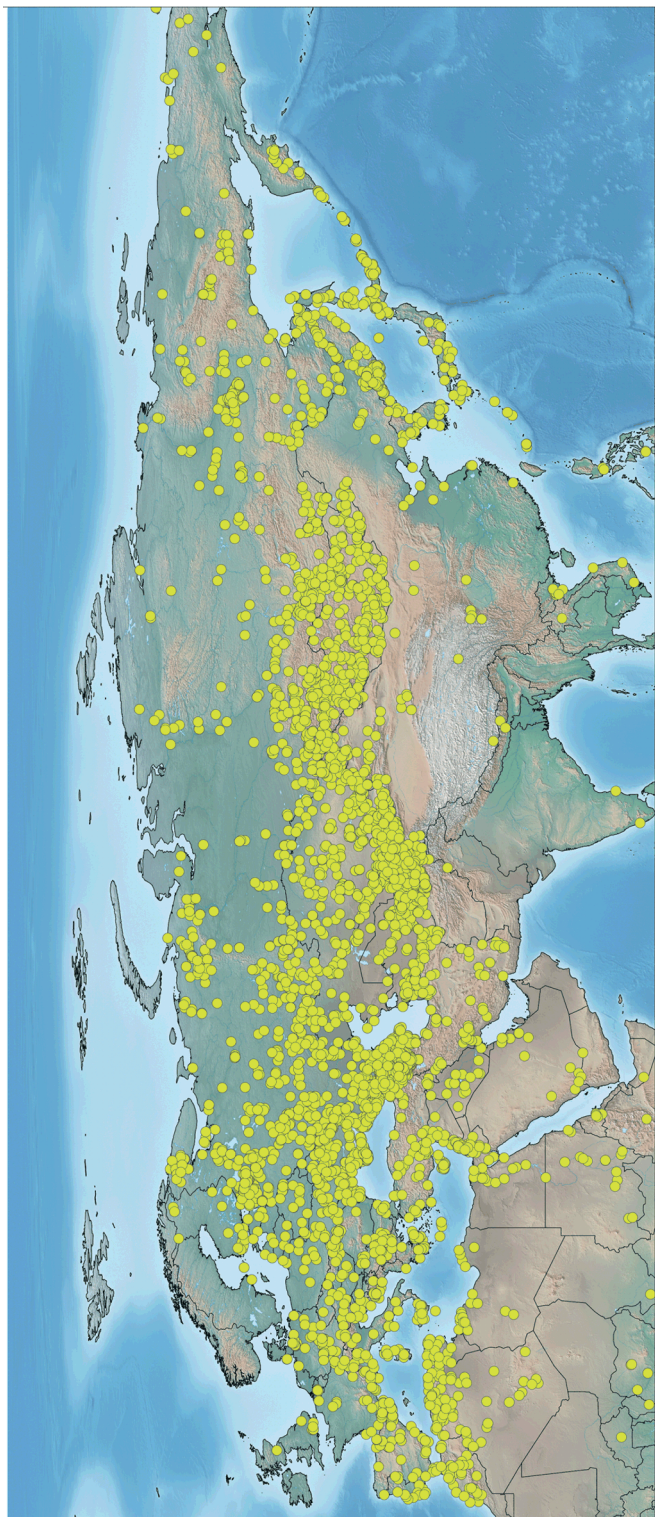


Рис. 4. Отображение мест сбора всех клопов-слепняков из подсемейств Phylinae и Orthotylinae в фондовой коллекции ЗИН в пределах Палеарктики. Точки сбора картированы с помощью SimpleMappr (<https://www.simplemappr.net/>).

PBI: Edit Mode

Change Mode

USI Prefix: AMNH\_PBI

Specimen [search]

[by taxon; add USI]

Taxon

Habitat

Host

Locality

Locality [search]

Collection Event

Field Host

Field Images

Country

State/Province

Sec. Subdivision

Institution

Collector/Donor

Log Out

Specimen [by taxon; add USI] [Need assistance?]

Family Miridae

Genus Solenoxypus [Phylini P1]

Species kazakhstanicus

View Specimens without USI

Search

Σ=28

Toggle All

Update

Delete

Print

UID	USI	Sex	Type	D	I	M	P	Country	State/Prov.	Sec. Subdiv.	Locality	Collection Event	Images
<input type="checkbox"/> 1501717	AMNH_PBI 00155871	Adult Male	Paratype					KAZAKHSTAN	Karaganda Prov.	none	30 km NW of Dzhezkazgan [47.90000, 68.05000] 541 m (1775 ft)	04 Jun 1962, I. M. Kerzhner	
<input type="checkbox"/> 1501718	AMNH_PBI 00155872	Adult Male	Paratype	D			P	KAZAKHSTAN	Karaganda Prov.	none	30 km NW of Dzhezkazgan [47.90000, 68.05000] 541 m (1775 ft)	04 Jun 1962, I. M. Kerzhner	
<input type="checkbox"/> 1501699	AMNH_PBI 00155841	Adult Female	Paratype					KAZAKHSTAN	West Kazakhstan Prov.	none	At the confluence of Karakengir and Zhezdy Streams [47.46666, 67.95000]	24 May 1962, I. M. Kerzhner	
<input type="checkbox"/> 1501700	AMNH_PBI 00155843	Adult Female	Paratype					KAZAKHSTAN	West Kazakhstan Prov.	none	At the confluence of Karakengir and Zhezdy Streams [47.46666, 67.95000]	24 May 1962, I. M. Kerzhner	
<input type="checkbox"/> 1501701	AMNH_PBI 00155844	Adult Female	Paratype					KAZAKHSTAN	West Kazakhstan Prov.	none	At the confluence of Karakengir and Zhezdy Streams [47.46666, 67.95000]	24 May 1962, I. M. Kerzhner	
<input type="checkbox"/> 1501702	AMNH_PBI 00155847	Adult Female	Paratype					KAZAKHSTAN	West Kazakhstan Prov.	none	At the confluence of Karakengir and Zhezdy Streams [47.46666, 67.95000]	24 May 1962, I. M. Kerzhner	
<input type="checkbox"/> 1501703	AMNH_PBI 00155848	Adult Female	Paratype					KAZAKHSTAN	West Kazakhstan Prov.	none	At the confluence of Karakengir and Zhezdy Streams [47.46666, 67.95000]	24 May 1962, I. M. Kerzhner	
<input type="checkbox"/> 1501704	AMNH_PBI 00155849	Adult Female	Paratype					KAZAKHSTAN	West Kazakhstan Prov.	none	At the confluence of Karakengir and Zhezdy Streams [47.46666, 67.95000]	24 May 1962, I. M. Kerzhner	
<input type="checkbox"/> 1501705	AMNH_PBI 00155850	Adult Female	Paratype	D			P	KAZAKHSTAN	West Kazakhstan	none	At the confluence of Karakengir and Zhezdy	24 May 1962, I. M.	

Рис. 5. Режим редактирования (edit mode) реляционной базы АЕС. Показан поиск экземпляров *Solenoxypus kazakhstanicus* Konstantinov et Korzeev, введенных в базу данных при описании этого вида (Konstantinov, Korzeev, 2014). Иконка фотоаппарата в правой колонке показывает наличие иллюстраций для данного экземпляра. Электронные формы в левом фрейме позволяют проводить поиск и редактировать таксономическую информацию, места сборов и любые другие типы вхождений.

Knyshov, 2015; Namyatova, Cassis, 2016a, 2016b, 2019; Namyatova et al., 2019), были выполнены с использованием базы данных АЕС. В каждом случае это не только упрощало работу с исследуемым материалом из разных музеев мира, анализом кормовых связей и картированием распространения, но и дало возможность предоставить расширенный доступ к материалам исследования всем пользователям.

В частности, все сделанные для исследованных видов высококачественные фотографии внешнего вида, электронограммы важных диагностических признаков и других необходимых для диагностики деталей строения, в том числе не вошедшие в публикацию, доступны в интернете в большем разрешении, чем у обычных pdf-файлов. Размещение цветных микрофотографий делает возможным использование ресурса в качестве виртуальной справочной коллекции, что значительно облегчит определение видов таксономически сложной группы.

Таксономическая ревизия рода *Campylomma* Reuter (Heteroptera: Phylinae) Западной Палеарктики (Konstantinov et al., 2015, 2016) может служить одним из множества примеров подобного подхода. Этот род включает в мировой фауне более 160 трудно различимых и полиморфных видов. Все сделанные в ходе работы фотографии внешнего вида и структур гениталий в разных проекциях для многих экземпляров из

382

PBI Locality Database
+
<https://research.amnh.org/pbi/locality/specimenQuery.php?FamilyUID=6296&SubfamilyUID=6295&TribeUID=6292&G>

**PBI: Report Mode**  
Change Mode  
USI Prefix: AMNH.TZC  
New sp.  
New sp. [USI]  
Described sp.  
Described sp. [USI]  
Coordinates  
Hosts  
Labels [by Host]  
Labels [by Locality]  
Queries  
Log Out

**Queries**

Family	Mindae	Subfamily	Phylinae	Tribe	Phylini		
Genus	Compsidolon	Species	--Choose--	Type	--Choose--	Sex	--Choose--
Country	MONGOLIA	State/Province	--Choose--	Secondary Subdivision	--Choose--	Project	--Choose--
Collector				Depository	--Choose--		
Det. By	--Choose--			Det. Year		History	--Choose--
Macro Habitat	--Choose--	Micro Habitat	--Choose--	Additional Info	--Choose--	Specimen Notes	
Host Family	Asteraceae	Host Genus	Artemisia	Host Species	--Choose--	Host Subspecies	--Choose--
Sort by:	USI	Search		Count	Download	Clear	Z=10

USI	Taxon (G. sp.)	Locality/Coll. Event	Sex/Type	Dep.	Det. By/Year	Additional Info	Host (G. sp. ssp.)
AMNH_PBI 00236183	<i>Compsidolon pumilum</i>	MONGOLIA; Central Aimak; none; Nr Songlin [Songino], SW of Ulaanbaatar, steppe; 47.81666, 106.66666; 01 Jul 1967; I. M. Kerzhner	Adult Male/None	ZISP			<i>Artemisia frigida</i>
AMNH_PBI 00236184	<i>Compsidolon pumilum</i>	MONGOLIA; Central Aimak; none; Nr Songlin [Songino], SW of Ulaanbaatar, steppe; 47.81666, 106.66666; 01 Jul 1967; I. M. Kerzhner	Adult Male/None	ZISP			<i>Artemisia frigida</i>
AMNH_PBI 00236434	<i>Compsidolon pumilum</i>	MONGOLIA; Central Aimak; none; Nr Songlin [Songino], SW of Ulaanbaatar, steppe; 47.81666, 106.66666; 01 Jul 1967; I. M. Kerzhner	Adult Female/None	ZISP			<i>Artemisia frigida</i>
AMNH_PBI 00236435	<i>Compsidolon pumilum</i>	MONGOLIA; Central Aimak; none; Nr Songlin [Songino], SW of Ulaanbaatar, steppe; 47.81666, 106.66666; 01 Jul 1967; I. M. Kerzhner	Adult Female/None	ZISP			<i>Artemisia frigida</i>
AMNH_PBI 00236436	<i>Compsidolon pumilum</i>	MONGOLIA; Central Aimak; none; Nr Songlin [Songino], SW of Ulaanbaatar, steppe; 47.81666, 106.66666; 01 Jul 1967; I. M. Kerzhner	Adult Female/None	ZISP			<i>Artemisia frigida</i>
AMNH_PBI 00236437	<i>Compsidolon pumilum</i>	MONGOLIA; Central Aimak; none; Nr Songlin [Songino], SW of Ulaanbaatar, steppe; 47.81666, 106.66666; 01 Jul 1967; I. M. Kerzhner	Adult Male/None	ZISP			<i>Artemisia frigida</i>
AMNH_PBI 00236785 No. of Spec. 2	<i>Compsidolon kerzhneri</i>	MONGOLIA; Middle Govi Aimak; none; Delger-Hangay-ula Mts; 45.23743, 104.80511; 13 Sep 1970; I. M. Kerzhner	Adult Male/None	ZISP			<i>Artemisia rutifolia</i>
AMNH_PBI 00236785	<i>Compsidolon kerzhneri</i>	MONGOLIA; Middle Govi Aimak; none; Delger-Hangay-ula Mts; 45.23743, 104.80511; 13 Sep 1970; I. M. Kerzhner	Adult Female/None	ZISP			<i>Artemisia rutifolia</i>
AMNH_PBI 00236786 No. of Spec. 2	<i>Compsidolon kerzhneri</i>	MONGOLIA; Middle Govi Aimak; none; Delger-Hangay-ula Mts; 45.23743, 104.80511; 13 Sep 1970; I. M. Kerzhner	Adult Female/None	ZISP			<i>Artemisia rutifolia</i>
AMNH_PBI 00236786	<i>Compsidolon kerzhneri</i>	MONGOLIA; Middle Govi Aimak; none; Delger-Hangay-ula Mts; 45.23743, 104.80511; 13 Sep 1970; I. M. Kerzhner	Adult Male/None	ZISP			<i>Artemisia rutifolia</i>

Total records, this query: 10  
Total specimens, this query: 12

Рис. 6. Режим отчета (report mode) реляционной базы АЕС. Показан поиск всех видов и экземпляров клопов-слепняков рода *Compsidolon* Reuter (подсем. Phylinae) в коллекции ЗИН, собранных в Монголии на полыни.

разных частей ареала были загружены в базу данных и доступны в интернете. Так, по ссылке <http://research.amnh.org/pbi/heteropterasespeciespage/speciesdetails.php?fromall=fromall&speciesid=3209&genusid=5790> можно посмотреть, как представлены данные по одному из исследованных видов, *Campylomma verbasci* (Meyer-Dür). Помимо этикеточных для каждого экземпляра приведены сведения о кормовых растениях и более 20 фотографий внешнего вида и важных для диагностики деталей строения. Аналогичным образом можно получить данные и по всем другим исследованным видам.

Точки сбора каждого вида приводятся с указанием координат, что позволяет автоматически генерировать масштабируемые карты распространения, получать и анализировать дополнительные данные, например, о трофических связях или стациальных предпочтениях.



Рис. 7. Режим отчета (report mode) реляционной базы АЕС. Формирование списка исследованного материала при подготовке описания нового вида *Scirtetellus medvedevae* Konstantinov (Konstantinov et al., 2013).

Координаты для каждого таксона можно легко извлечь в виде отдельного файла и использовать для картирования в специализированных программах, таких как ArcGis (например, Konstantinov, 2008c, 2008d; Namyatova et al., 2019), DIVA-GIS (например, Knyshov, Konstantinov, 2013a, 2013b), QGIS (например, Konstantinov, Simov, 2018), или браузерных онлайн-приложениях, например Simplemappr (Konstantinov, 2019). В этих программах можно также составлять карты распространения видов, включая слои с экорегионами и климатическими поясами (Namyatova et al., 2019). Таким образом, пополняемая реляционная база по слепнякам может стать источником сведений для широкого круга исследователей и практиков.

#### ВОЗМОЖНОСТИ АНАЛИЗА ДАННЫХ: КОРМОВЫЕ СВЯЗИ И РАСПРОСТРАНЕНИЕ

Помимо результатов, полученных при подготовке таксономических ревизий, значительный интерес представляет и анализ обобщенного массива данных. Все данные по экземплярам подсемейств Phylinae и Orthotylinae из фондовой коллекции Зоологического института РАН были экспортированы из базы данных АЕС и загружены в среду программирования R (<https://cran.r-project.org/bin/windows/base/>) для дальнейшей обработки. Основой для дальнейшей работы стала фауна Палеарктики, превосходно представленная в коллекции ЗИН. Для этого региона известно более 1000 видов из 165 родов Phylinae и около 500 видов из 55 родов Orthotylinae (Kerzhner, Josifov, 1999), но регулярно выявляются и новые для науки таксоны (например, Namyatova, Konstantinov, 2009; Knyshov, Konstantinov, 2012; Konstantinov, Simov, 2018; Konstantinov, 2019). К настоящему времени в базу данных Arthropod Easy Capture занесена информация о 52 699 экз. 155 видов Phylinae и 29 793 экз. 414 видов Orthotylinae в коллекции ЗИН.

## Видовое разнообразие и степень изученности отдельных регионов

С помощью данных, извлеченных из базы АЕС, можно оценить степень изученности видового разнообразия разных стран и регионов. Мы ограничили наш анализ странами, материал из которых хорошо представлен в коллекции ЗИН (в общей сложности более 67 000 экземпляров); это Россия, Монголия, Казахстан, страны Средней Азии и Закавказья. Соотношение числа экземпляров в коллекции, мест сбора и видов для каждой из этих стран представлено на рис. 8–10.

На всех графиках Россия ожидаемо представлена наибольшим количеством данных, Казахстан и Монголия занимают соответственно второе и третье места. Позиции некоторых стран на графиках сильно различаются. К примеру, Таджикистан находится на четвертом месте по числу экземпляров (рис. 8), но занимает только шестое место по количеству мест сбора (рис. 9) и седьмое место по числу видов (рис. 10). Туркмения находится ближе к концу по количеству экземпляров и мест сбора (рис. 8, 9), но занимает третье место по числу видов (рис. 10).

Phylinae и Orthotylinae особенно разнообразны в странах со средиземноморским типом климата, степях, полупустынях и пустынях (Cassis, Schuh, 2012). Биомы этих типов преобладают в Казахстане, Монголии, Узбекистане и Туркмении, что объясняет значительное видовое разнообразие фаун этих стран. Таджикистан и страны Закавказья меньше по площади, большую часть их территорий занимают горные системы, чем объясняется меньшее число собранных там видов. Фауна России закономерно уступает фауне Средней Азии по числу видов (365 видов в России и 412 – в Средней Азии), несмотря на несравнимо большие территорию и число собранных экземпляров.

Сопоставление разных административных единиц России по этим же параметрам (рис. 11–13) демонстрирует прежде всего исторически обусловленную неравномерность в пополнении фондовой коллекции ЗИН и может служить непрямым иллюстрацией степени изученности отдельных регионов. Самый большой материал собран в Ленинградской обл., Якутии, Приморском крае, на Сахалине, в Республике Алтай, Иркутской и Амурской областях, Дагестане (рис. 11). Общее число экземпляров из этих регионов составляет половину всей коллекции Phylinae и Orthotylinae ЗИН из России. Сборы из многих регионов незначительны; например, из Смоленской, Орловской, Калужской, Калининградской областей и Республики Мари-Эл есть менее чем по 10 экз. (рис. 11). Наибольшим числом мест сбора представлены Якутия, Ленинградская обл., Приморский край, Сахалин и Иркутская обл. (рис. 12). Общее число мест сборов из этих регионов составляет примерно треть всего числа сборов по России, что стало результатом многолетних кропотливых исследований советских и российских энтомологов В. В. Бианки (Ленинградская обл. и Якутия), А. Н. Кириченко (Ленинградская и Иркутская области, Приморский край), И. М. Кержнера (Республика Алтай, Иркутская обл., Приморский край, Сахалин) и Н. Н. Винокурова (Якутия).

В коллекции ЗИН с территории России представлено 368 видов клопов-сleпняков подсемейств Phylinae и Orthotylinae. Больше всего видов собрано в Приморском крае (104), Дагестане (94), Краснодарском крае (85), Якутии (77) и Ленинградской обл. (75) (рис. 13). В первых двух регионах в общей сложности собрано более половины всех видов. Приморский край имеет много общего с флорой и фауной богатой видами Восточной Азии (Безбородов, 2014; Кожевников, Кожевникова, 2014), что определяет значительное видовое разнообразие и эндемизм этого региона. Отсюда известно значительное число видов, относящихся к редким или не встречающимся в других регионах

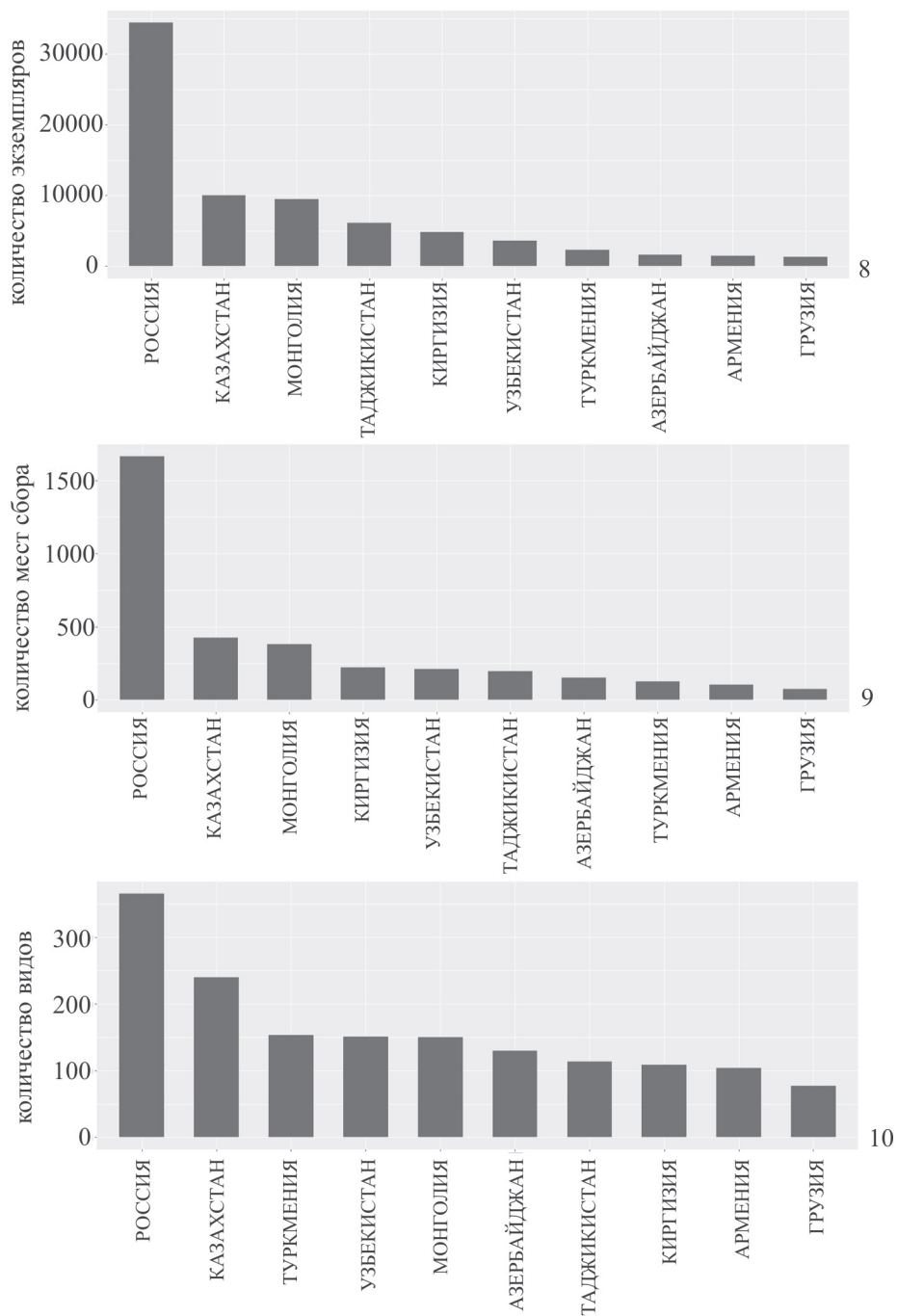


Рис. 8–10. Распределение количества экземпляров, мест сбора и видов подсемейств Phylinae и Orthotylinae для России, Казахстана, Монголии, стран Средней Азии и Закавказья.

8 – количество экземпляров, 9 – количество мест сбора, 10 – количество видов.

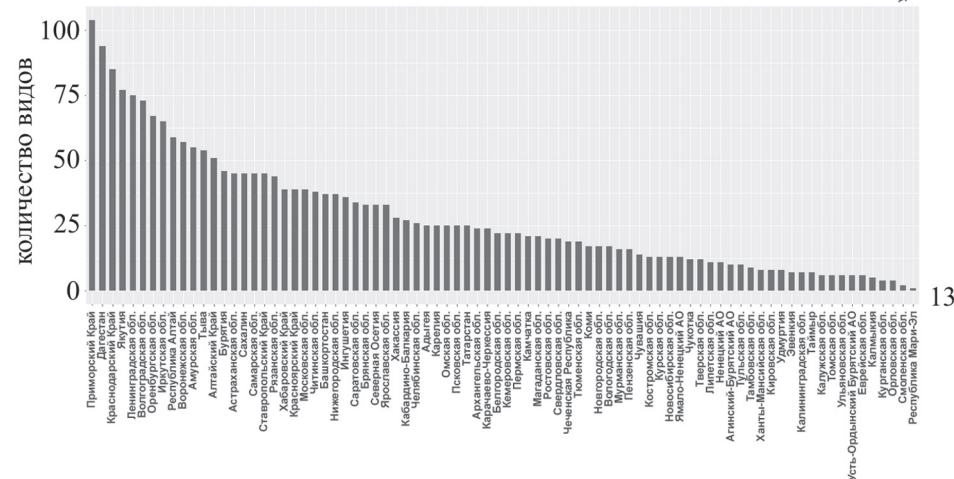
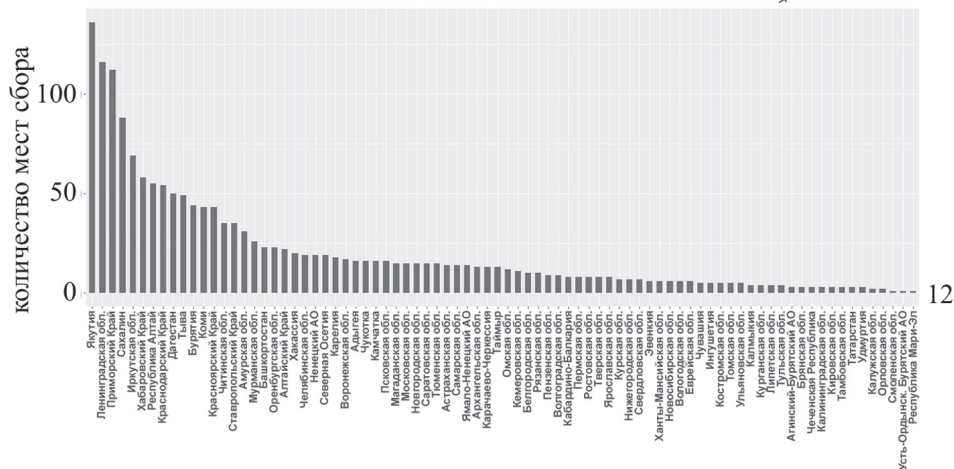
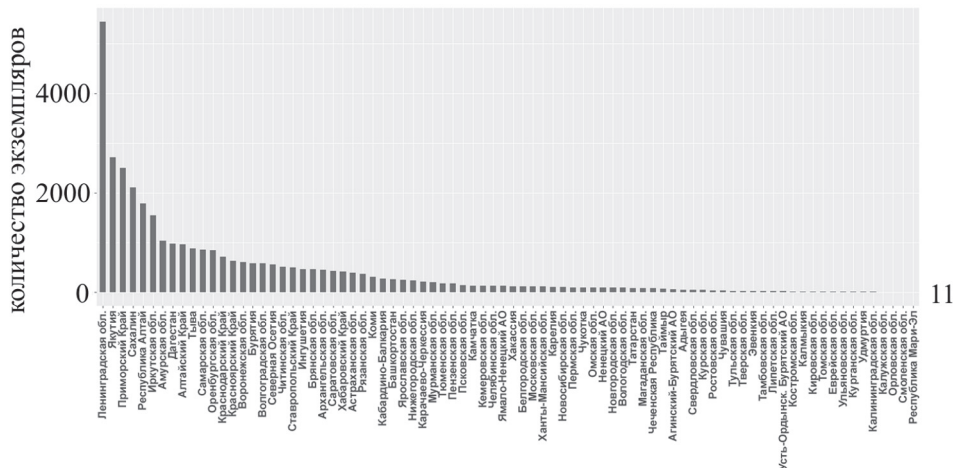


Рис. 11–13. Распределение числа экземпляров, мест сбора и видов подсемейств *Phylinae* и *Orthotylinae* для регионов России.

1 – число экземпляров, 12 –мест сбора, 13 –видов.

Палеарктики родам и трибам (Štys, 1985; Кержнер, 1988; Yasunaga, 2000; Namyatova, Cassis, 2016c). Северный Кавказ и, в частности, Дагестан и Краснодарский край, отличаются сочетание умеренного и субтропического типов климата и высокое разнообразие ландшафтов, что предопределяет богатство фауны этого региона (Солодовников, 1998; Прокин и др., 2008). Довольно большое число собранных в Якутии и Ленинградской обл. видов прежде всего объясняется интенсивностью проведенных там сборов.

### Кормовые связи

Насекомые-фитофаги составляют не менее четверти всех описанных видов животных и растений, что определяет важность поиска закономерностей их связей с растениями (Jaenike, 1990; Ødegaard et al., 2005; Janz et al., 2006; Forister et al., 2015).

Несмотря на то, что клопы-слепняки по преимуществу фитофаги, исследования их связей с кормовыми растениями немногочисленны. Пищевая специализация всех подсемейств и подробное обсуждение вредителей приведены в обобщающей монографии по биологии *Miridae* (Wheeler, 2001). Обзоры связей с кормовыми растениями опубликованы по подсемействам *Bryocorinae* (Konstantinov et al., 2018) и *Isometopinae* (Namyatova, Cassis, 2016d), хотя последние – хищники, и их связь с растениями не связана напрямую с кормовыми предпочтениями. Кассис и Шу (Cassis, Schuh, 2012) дали обзор кормовых растений для мировой фауны сем. *Miridae*, основываясь на данных интернет-каталога (Schuh, 2002–2013), в который внесены библиографические ссылки для всех видов этого семейства, включая многие данные по кормовым растениям. Ими было продемонстрировано, что виды *Miridae* чаще всего связаны с кладой розид и ее порядками *Caryophyllales*, *Fabales*, *Fagales* и *Rosales*, а также с кладой астерид и ее порядками *Lamiales* и *Asterales*. При этом виды подсем. *Phylinae* связаны преимущественно с растениями из порядков *Caryophyllales*, *Fagales* и *Pinales*, а виды подсем. *Orthotylinae* – с *Asterales*, *Fabales* и *Fagales*.

Основываясь на данных базы АЕС и системе семенных растений APG IV (Chase et al., 2016), мы провели сходный анализ для подсемейств *Phylinae* (589 видов с данными по кормовым растениям) и *Orthotylinae* (71 вид с данными по кормовым растениям) фауны Палеарктики. В соответствии с полученными данными, виды *Phylinae* преимущественно связаны с растениями из порядков *Caryophyllales* (133 вида), *Asterales* (77), *Rosales* (70), *Fagales* (63), *Fabales* (63) и *Pinales* (44) (рис. 14). При этом кормовые растения 50 % видов относятся к семействам *Asteraceae* (*Asterales*), *Amaranthaceae* (*Caryophyllales*), *Fabaceae* (*Fabales*), *Fagaceae* (*Fagales*), *Pinaceae* (*Pinales*) и *Rosaceae* (*Rosales*) (рис. 15). Кормовые растения *Orthotylinae* преимущественно относятся к порядкам *Asterales* (19 видов), *Poales* (15), *Rosales* (15), *Malpighiales* (14), *Caryophyllales* (9), *Fabales* (8) и *Fagales* (4) (рис. 16). На уровне семейств, 50 % видов *Orthotylinae* были отмечены с *Asteraceae* (*Asterales*), *Salicaceae* (*Malpighiales*), *Poaceae* (*Poales*) и *Rosaceae* (*Rosales*) (рис. 17).

Наши результаты лишь отчасти соответствуют ранее опубликованным данным (Cassis, Schuh, 2012). В обоих случаях большинство видов зарегистрировано с клад астерид и розид, но это большие группы, которые вместе составляют по крайней мере четверть всех описанных видов растений (Scotland, Wortley, 2003; Wang et al., 2009; Bremer, 2009). Отличия в кормовых связях подсем. *Orthotylinae*, по-видимому, в большей степени определяются относительно небольшой выборкой видов с установленными кормовыми связями в нашем исследовании, а не спецификой палеарктических



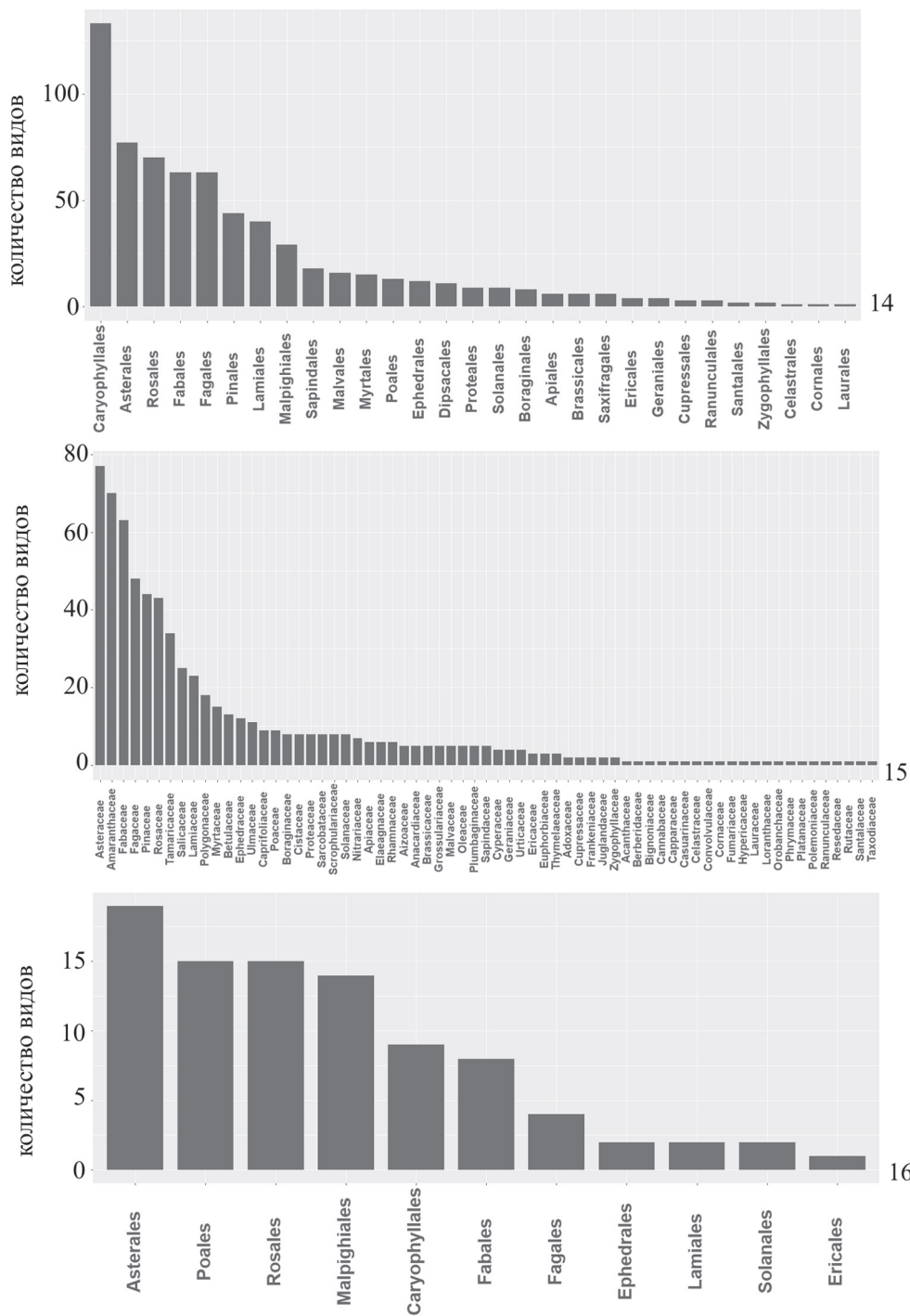
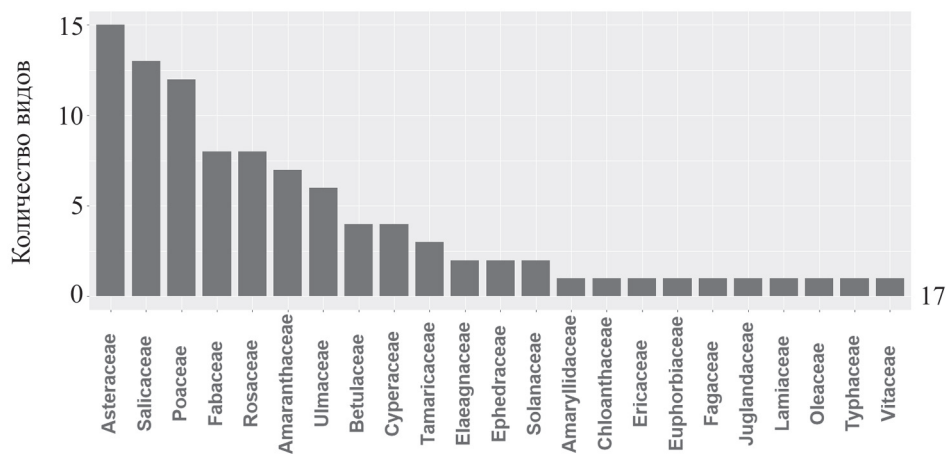
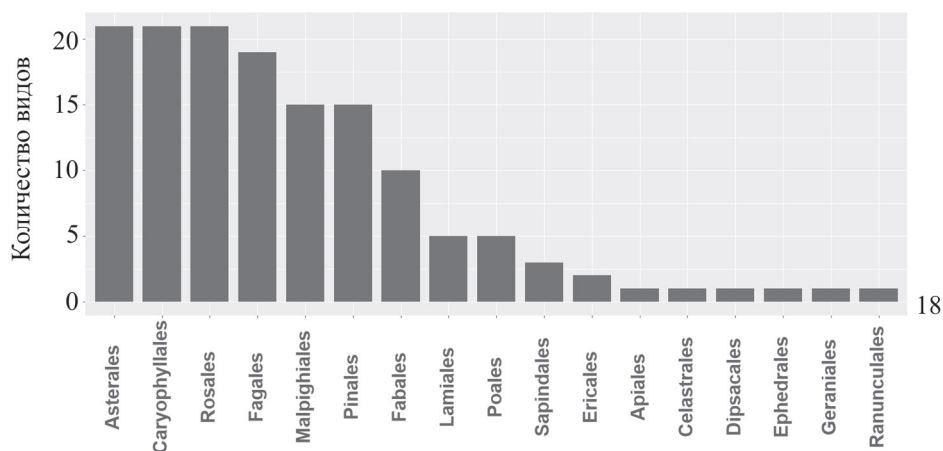


Рис. 14–16. Пищевая специализация клопов подсемейств Phylinae и Orthotyliinae.

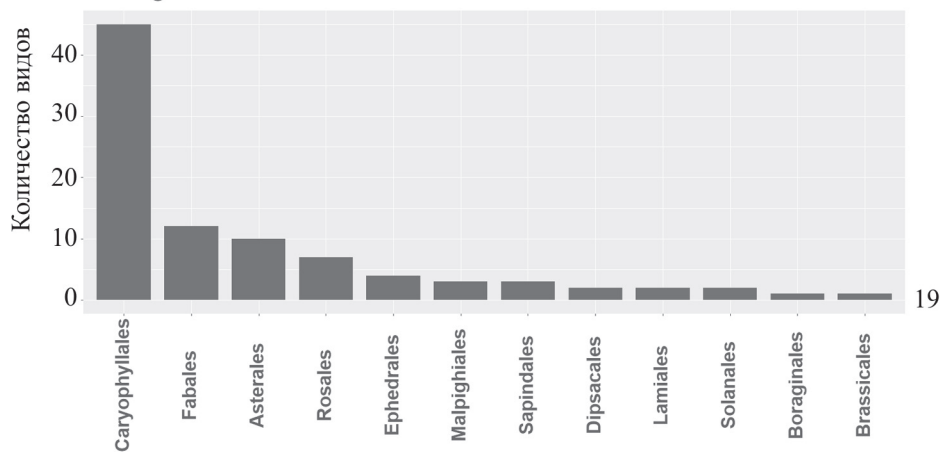
14 – специализация Phylinae к порядкам растений, 15 – специализация Phylinae к семействам растений, 16 – специализация Orthotyliinae к порядкам растений.



17



18



19

Рис. 17–19. Пищевые связи клопов подсемейств Phylinae и Orthotyliinae.

7 – специализация к семействам растений видов подсем. Orthotyliinae Палеарктики, 18 – специализация к порядкам растений видов подсем. Phylinae на территории России, 19 – специализация к порядкам растений видов подсем. Phylinae на территории Казахстана.

фауны и флоры. Напротив, данные по кормовым связям подсем. *Phylinae* хорошо представлены в нашем наборе. Пищевые связи видов подсемейства определяются многими факторами и сильно различаются в пределах Палеарктики, что может быть проиллюстрировано сравнением их у видов из стран, хорошо представленных в анализируемом наборе данных (Россия, Монголия, Казахстан).

Почти равное число видов подсем. *Phylinae* России специализируется на растениях из порядков *Asterales*, *Caryophyllales* и *Rosales*, затем идут *Fagales*, *Malpighiales* и *Pinales* (рис. 18). В Казахстане и Монголии наибольшее число видов обитает на растениях порядка *Caryophyllales*, за ним следуют *Fabales*, *Asterales* и *Rosales*, причем с последних трех групп растений было отмечено гораздо меньше видов (рис. 19, 20). Распределение по семействам показывает, что для Казахстана и России порядок *Caryophyllales* является самым предпочитаемым в основном за счет сем. *Amaranthaceae* (включающего маревые в качестве подсем. *Chenopodioideae*), а для Монголии – за счет *Amaranthaceae* и *Tamaricaceae*. Преобладание *Phylinae* в Монголии и Казахстане на растениях порядка *Caryophyllales* объясняется обилием видов *Amaranthaceae* и *Tamaricaceae* в Средней и Центральной Азии и тесными связями многих родов *Phylinae* с растениями этих групп (Kment, Brija, 2007; Konstantinov, 2008a, 2008b; Matocq, 2011).

Многие виды во всех трех странах связаны с порядками *Asterales* и *Rosales*, прежде всего за счет больших семейств *Asteraceae* и *Rosaceae*, хорошо представленных как в России, так и в более южных азиатских странах (Ryabushkina et al., 2008; Urgamal et al., 2013). Среди кормовых растений из сем. *Asteraceae* значительно преобладают полыни (*Artemisia* spp.). В Казахстане и Монголии немало видов связано с растениями порядка *Fabales*, в то время как для видов с территории России этот порядок находится только на седьмом месте. В основном виды *Phylinae* были отмечены с рода *Caragana*, который гораздо лучше представлен в полупустынях и пустынях Центральной Азии, чем в России (Zhang et al., 2009). В отличие от результатов по России, в Казахстане виды *Phylinae* не отмечены с *Pinales*, а в Монголии лишь несколько видов отмечены с представителей этого порядка. Это отражает ограниченное распространение биомов смешанных и хвойных лесов в Средней и Центральной Азии.

Среди насекомых часты случаи специализации на одном виде растений (Janz et al., 2001; Peccoud et al., 2010; Winkler, Mitter, 2008), представителях одного рода или семейства (Novotny et al., 2002; Ødegaard et al., 2005). Сказанное в полной мере справедливо и для представителей сем. *Miridae*. Согласно данным Кассиса и Шу, около 60 % видов слепняков отмечено только с одного вида растений (Cassis, Schuh, 2012), при этом для многих видов установлена связь с отдельным родом или семейством растений (Namyatova, Cassis, 2013; Konstantinov et al., 2018; Symonds, Cassis, 2018).

Мы оценили степень специализации палеарктических видов *Phylinae* и *Orthotylinae* на основе материала фондовой коллекции ЗИН. Результаты обработки всего набора данных по двум подсемействам показывают высокую степень специализации. Около 75 % видов филин и ортотилин – монофаги, отмеченные лишь с одного вида растений (рис. 21). При этом число видов, ограниченных в кормовых связях одним семейством растений, достигает 85 % (рис. 22). Расчеты, выполненные для видов подсемейств *Phylinae* и *Orthotylinae* порознь, показывают примерно такие же процентные соотношения.

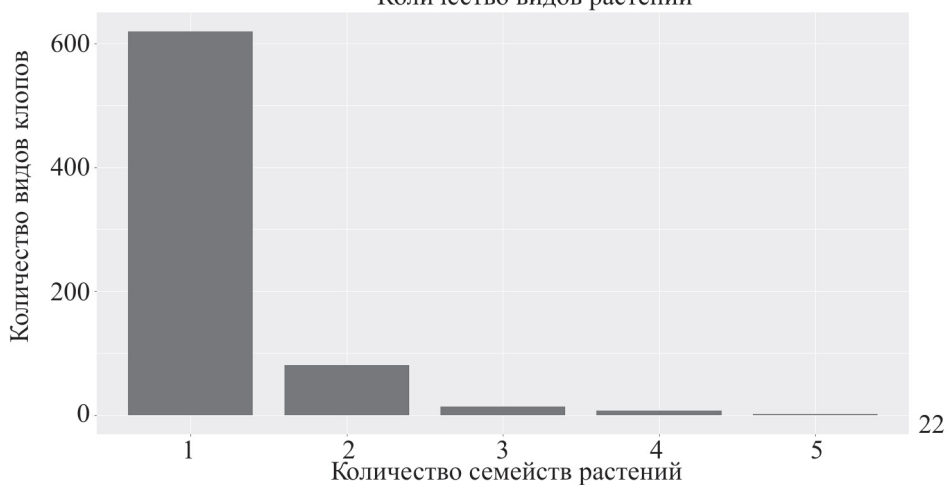
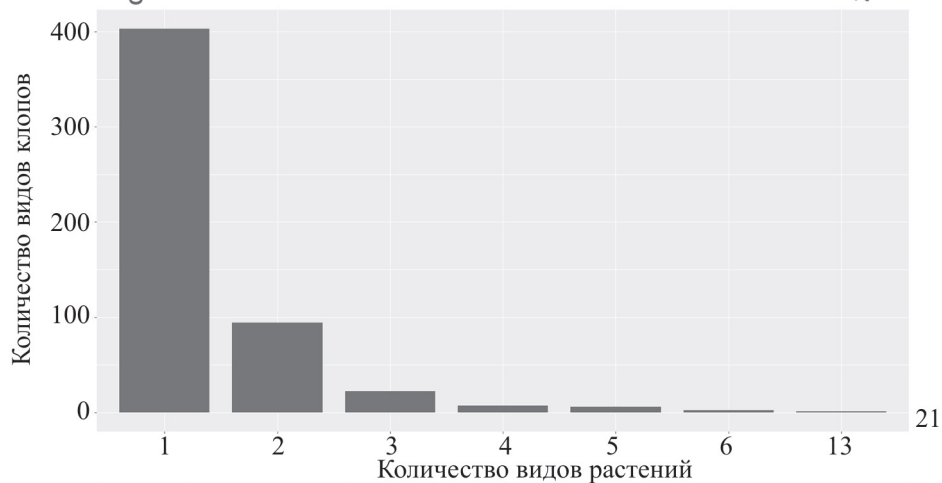
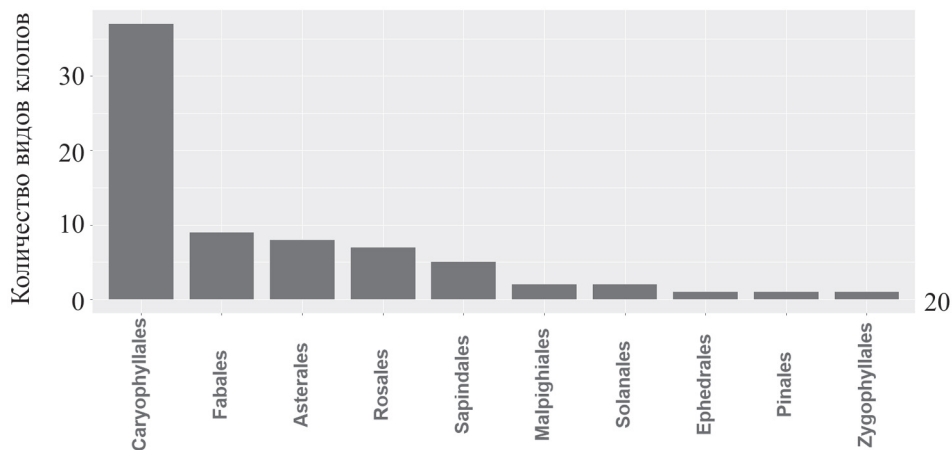


Рис. 20–22. Пищевые связи клопов подсемейств Phylinae и Orthotylinae.

20 – специализация Phylinae к порядкам растений на территории Монголии, 21 – специализация Phylinae и Orthotylinae к видам растений, 22 – специализация Phylinae и Orthotylinae к семействам растений.

Таким образом, материалы интернет-доступной базы данных АЕС могут служить основой для первичного анализа распространения видов и их специализации на определенных кормовых растениях. Эти сведения можно также использовать для биогеографических исследований, изучения коэволюции слепняков с растениями, а также анализа фаун отдельных регионов.

#### БЛАГОДАРНОСТИ

Описанные в данной работе методы и подходы сформировались в рамках проекта Национального научного фонда США «Инвентаризация биоразнообразия планеты» (Planetary Biodiversity Inventory, PBI), посвященного исследованию сем. *Miridae*. В ходе выполнения этого проекта (DEB 0316495 to R. T. Schuh, G. Cassis) была создана и база данных АЕС. Мы искренне признательны многим коллегам, в первую очередь Р. Т. Шу (R. T. Schuh), Г. Кассису (G. Cassis), М. Шварцу (M. Schwartz), К. Вейраух (C. Weirauch) за совместную работу, многолетнюю помощь и плодотворные обсуждения.

#### ФИНАНСИРОВАНИЕ

Работа выполнена в рамках темы госзадания АААА-А19-119020690101-6 и поддержана грантом Российского фонда фундаментальных исследований № 19-04-00662.

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Безбородов В. Г. 2014. Аннотированный список пластинчатоусых жуков (Coleoptera, Scarabaeoidea) фауны Приморского края (Россия). Амурский зоологический журнал **6** (1): 22–50.
- Кержнер И. М. 1988. Новые и малоизвестные полужесткокрылые насекомые (Heteroptera) с Дальнего Востока СССР. Владивосток: ДВНЦ АН СССР, с. 87.
- Кожевников А. Е., Кожевникова З. В. 2014. Таксономический состав и особенности природной флоры Приморского края. Комаровские чтения **62**: 7–62.
- Прокин А. А., Шаповалов М. И., Сапрыкин М. А. 2008. Водные полужесткокрылые и водомерки (Heteroptera: Neromorpha, Gerromorpha) Северо-Западного Кавказа: обзор фауны и ее зоогеографические особенности. Кавказский энтомологический бюллетень **4** (3): 261–271.
- Солодовников А. Ю. 1998. Фауна стафилинид (Coleoptera, Staphylinidae) Северо-Западного Кавказа. Подсемейства Staphylininae, Xantholininae, Paederinae, Steninae, Oxyporinae. Энтомологическое обозрение **77** (2): 331–354.
- Allan E. L., Livermore L., Price B. W., Shchedrina O., Smith V. S. 2019. A novel automated mass digitisation workflow for natural history microscope slides. Biodiversity data journal **7**: e32342.
- Ang Y., Puniamoorthy J., Pont A. C., Bartak M., Blanckenhorn W. U., Eberhard W. G., Puniamoorthy N., Silva V. C., Munari L., Meier R. 2013. A plea for digital reference collections and other science-based digitization initiatives in taxonomy: Sepsidnet as exemplar. Systematic Entomology **38** (3): 637–644.
- Ariño A. 2010. Approaches to estimating the universe of natural history collections data. Biodiversity Informatics **7** (2): 81–92.
- Beaman R. S., Cellinese N. 2012. Mass digitization of scientific collections: New opportunities to transform the use of biological specimens and underwrite biodiversity science. ZooKeys **209**: 7–17.
- Bertone M., Blinn R., Stanfield T., Dew K., Seltmann K., Deans A. 2012. Results and insights from the NCSU Insect Museum GigaPan project. ZooKeys **209**: 115–132.
- Bik H. M. 2017. Let's rise up to unite taxonomy and technology. PLOS Biology **15** (8): e2002231.
- Blagoderov V., Kitching I. J., Livermore L., Simonsen T. J., Smith V. S. 2012. No specimen left behind: industrial scale digitization of natural history collections. ZooKeys **209**: 133–146.
- Bremer B. 2009. Asterids. In: S. Kumar, S. B. Hedges (eds). Timetree of Life. OUP Oxford, pp. 177–187.
- Cassis G., Schuh R. T. 2012. Systematics, biodiversity, biogeography, and host associations of the *Miridae* (Insecta: Hemiptera: Heteroptera: Cimicomorpha). Annual Review of Entomology **57**: 377–404.
- Cassis G., Wall M. A., Schuh R. T. 2007. Insect biodiversity and industrializing the taxonomic process: A case study with the *Miridae* (Heteroptera). In: T. Hodkinson, J. Parnell (eds). Towards the Tree of Life: Taxonomy and Systematics of Large and Species Rich Clades. Boca Raton: CRC Press, pp. 193–212.



- Chase M. W., Christenhusz M. J. M., Fay M. F., Byng J. W., Judd W. S., Soltis D. E., Mabblerley D. J., Sennikov A. N., Soltis P. S., Stevens P. F. 2016. An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants: APG IV. *Botanical Journal of the Linnean Society* **181** (1): 1–20.
- Clark B. R., Godfray H. C. J., Kitching I. J., Mayo S. J., Scoble M. J. 2008. Taxonomy as an eScience. *Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences* **367** (1890): 953–966.
- Forister M. L., Novotny V., Panorska A. K., Baje L., Basset Y., Butterill P. T., Cizek L., Coley P. D., Dem F., Diniz I. R., Drozd P., Fox M., Glassmire A. E., Hazen R., Hrcek J., Jahner J. P., Kaman O., Kozubowski T. J., Kursar T. A., Lewis O. T., Lill J., Marquis R. J., Miller S. E., Morais H. C., Murakami M., Nickel H., Pardikes N. A., Ricklefs R. E., Singer M. S., Smilanich A. M., Stireman J. O., Villamarin-Cortez S., Vodka S., Volf M., Wagner D. L., Walla T., Weiblen G. D., Dyer L. A. 2015. The global distribution of diet breadth in insect herbivores. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **112** (2): 442–447.
- Funk V. A. 2018. Collections-based science in the 21st Century. *Journal of Systematics and Evolution* **56**: 175–193.
- Goodwin Z. A., Harris D. J., Filer D., Wood J. R., Scotland R. W. 2015. Widespread mistaken identity in tropical plant collections. *Current Biology* **25** (22): R1066–R1067.
- Hudson L. N., Blagoderov V., Heaton A., Holtzhausen P., Livermore L., Price B. W., van der Walt S., Smith V. S. 2015. Insect: Automating the Digitization of Natural History Collections. *PLOS One* **10** (11): e0143402.
- Jaenike J. 1990. Host specialization in phytophagous insects. *Annual Review of Ecology and Systematics* **21** (1): 243–273.
- Janz N., Nyblom K., Nylin S. 2001. Evolutionary dynamics of host plant specialization: a case study of the tribe Nymphalini. *Evolution* **55** (4): 783–796.
- Janz N., Nylin S., Wahlberg N. 2006. Diversity begets diversity: host expansions and the diversification of plant-feeding insects. *BMC Evolutionary Biology* **6** (1): 4.
- Johnson N. F. 2007. Biodiversity informatics. *Annual Review of Entomology* **52**: 421–438.
- Kerzhner I. M., Josifov M. 1999. Miridae. In: B. Aukema, C. Rieger (eds.) *Catalogue of the Heteroptera of the Palaearctic Region*. Vol. 3. Amsterdam: The Netherlands Entomological Society, 577 p.
- Kment P., Bryja J. 2007. Description of *Nasocoris lautereri* sp. nov. from the Balkan peninsula, with a review of the genus *Nasocoris* (Hemiptera: Heteroptera: Miridae: Phylinae). *Zootaxa* **1633** (1): 39–61.
- Knyshov A. A., Konstantinov F. V. 2012. A new genus and species of the tribe Orthotylini (Heteroptera: Miridae: Orthotylinae) from Central Asia. *European Journal of Entomology* **109** (1): 117–128.
- Knyshov A. A., Konstantinov F. V. 2013a. A taxonomic revision of the genus *Platycranus* Fieber, 1870 (Hemiptera: Heteroptera: Miridae: Orthotylinae). *Zootaxa* **3637** (2): 201–253.
- Knyshov A. A., Konstantinov F. V. 2013b. A taxonomic revision of the genus *Hyoidea* (Hemiptera: Heteroptera: Miridae). *Acta Entomologica Musei Nationalis Pragae* **53** (1): 1–32.
- Konstantinov F. V. 2008a. Review of the genus *Camptotylus* Fieber, 1860 (Heteroptera: Miridae) with description of two new species. *American Museum Novitates* **3606**: 1–23.
- Konstantinov F. V. 2008b. Review of *Solenoxyphus* Reuter, 1875 (Heteroptera: Miridae: Phylinae). *American Museum Novitates* **3607**: 1–44.
- Konstantinov F. V. 2008c. Review of *Omocoris* Lindberg, 1930 and a description of a new genus to accommodate *Eurycolpus dimorphus* Wagner, 1961 (Heteroptera: Miridae: Phylinae). In: S. Grozeva, N. Simov (eds.) *Advances in Heteroptera Research. Festschrift in Honour of 80th Anniversary of Michail Josifov*. Sofia–Moscow: Pensoft Publishers, pp. 165–180.
- Konstantinov F. V. 2008d. Review of *Ethelastia* Reuter (Heteroptera: Miridae: Phylinae). *Insect Systematic and Evolution* **39**: 213–222.
- Konstantinov F. V. 2008e. Revision of *Phaeochiton* Kerzhner, 1964 (Heteroptera: Miridae: Phylini). *European Journal of Entomology* **105**: 771–781.
- Konstantinov F. V. 2016. New synonymies in the plant bug family Miridae (Hemiptera: Heteroptera) from Northern China. *Zootaxa* **4205** (5): 496–500.
- Konstantinov F. V. 2019. Revision of *Agraptocoris* Reuter (Heteroptera: Miridae: Phylinae), with description of five new species and a review of aedeagal terminology. *Arthropod Systematics & Phylogeny* **77** (1): 89–126.
- Konstantinov F. V., Knyshov A. A. 2015. The tribe Bryocorini (Insecta: Heteroptera: Miridae: Bryocorinae): phylogeny, description of a new genus, and adaptive radiation on ferns. *Zoological Journal of the Linnean Society* **175**: 441–472.
- Konstantinov F. V., Korzeev A. I. 2014. *Solenoxyphus* Reuter, 1875 (Hemiptera: Heteroptera: Miridae: Phylinae): revised diagnosis, a new species and new generic synonym. *Zootaxa* **3860** (5): 464–478.

- Konstantinov F. V., Luo Z., Vinokurov N. N. 2013. Two new species, new synonymies, and new records of plant bugs (Hemiptera: Heteroptera: Miridae) from Northwestern China. *Zootaxa* **3666** (2): 203–220.
- Konstantinov F. V., Namyatova A. A. 2008. New records of Phylinae (Hemiptera: Heteroptera: Miridae) from the Palaearctic Region. *Zootaxa* **1870**: 24–42.
- Konstantinov F. V., Namyatova A. A. 2009. New records of Orthotylinae (Hemiptera: Heteroptera: Miridae) from the Palaearctic Region. *Zootaxa* **2295**: 55–63.
- Konstantinov F. V., Namyatova A. A., Cassis G. 2018. A synopsis of the bryocorine tribes (Heteroptera: Miridae: Bryocorinae): key, diagnoses, hosts and distributional patterns. *Invertebrate Systematics* **32** (4): 864–889.
- Konstantinov F. V., Neimorovets V. V., Korzeev A. I. 2015. The genus *Campylomma* Reuter, 1878 (Hemiptera: Heteroptera: Miridae: Phylinae): two new synonyms and discussion of the diagnosis. *Zootaxa* **3974** (2): 203–216.
- Konstantinov F. V., Neimorovets V. V., Korzeev A. I. 2016. Review of *Campylomma* from Russia, Caucasus, and Central Asia with description of two new species (Hemiptera: Heteroptera: Miridae: Phylinae). *Entomologica Americana* **122** (1): 115–155.
- Konstantinov F. V., Simov N. 2018. Review of the subgenus *Plumiger* of *Myrmecophyes*, with description of a new species (Heteroptera, Miridae, Halticini). *ZooKeys* **796**: 215–239.
- Konstantinov F. V., Vinokurov N. N. 2011. New species and new records of Plant Bugs (Hemiptera: Heteroptera) from Northwestern China. *Zootaxa* **2836**: 27–43.
- Mantle B. L., La Salle J., Fisher N. 2012. Whole-drawer imaging for digital management and curation of a large entomological collection. *ZooKeys* **209**: 147–163.
- Matocq A. 2011. Una nueva especie de *Nasocoris* de Marruecos (Hemiptera: Heteroptera: Miridae: Phylinae). *Heteropterica Revista de Entomologia* **11** (2): 299–304.
- Meier R., Dikow T. 2004. Significance of specimen databases from taxonomic revisions for estimating and mapping the global species diversity of invertebrates and repatriating reliable specimen data. *Conservation Biology* **8** (2): 478–488.
- Miller J., Dikow T., Agosti D., Sautter G., Catapano T., Penev L., Zhang Z., Pentcheff D., Pyle R., Blum S., Parr C. 2012. From taxonomic literature to cybertaxonomic content. *BMC Biology* **10** (1): 87.
- Miller J. A., Miller J. H., Pham D. S., Beentjes K. K. 2014. Cyberdiversity: improving the informatic value of diverse tropical arthropod inventories. *PloS One* **9** (12): e115750.
- Namyatova A. A. 2010. Revision of the genus *Pachytomella* (Heteroptera: Miridae: Orthotylinae: Halticini). *Acta Entomologica Musei Nationalis Pragae* **50** (2): 341–368.
- Namyatova A. A., Cassis G. 2013. Systematics, phylogeny and host associations of the Australian endemic monaloniine genus *Rayiera* Odhiambo (Insecta: Heteroptera: Miridae: Bryocorinae). *Invertebrate Systematics* **27** (6): 689–726.
- Namyatova A. A., Cassis G. 2016a. Revision and phylogeny of the fern-inhabiting genus *Felisacus* Distant (Insecta: Heteroptera: Miridae: Bryocorinae). *Bulletin of the American Museum of Natural History* **403**: 1–168.
- Namyatova A. A., Cassis G. 2016b. A remarkable new genus and six new species of fern-inhabiting plant bugs endemic to the Society Islands (Insecta: Heteroptera: Miridae: Mirinae: *Filicicoris* gen. nov.). *Insect Systematics & Evolution* **47** (3): 285–312.
- Namyatova A. A., Cassis G. 2016c. Systematic revision and phylogeny of the plant bug tribe Monaloniini (Insecta: Heteroptera: Miridae: Bryocorinae) of the world. *Zoological Journal of the Linnean Society* **176** (1): 36–136.
- Namyatova A. A., Cassis G. 2016d. Review of the seven new species of Isometopinae (Heteroptera: Miridae) in Australia and discussion of distribution and host plant associations of the subfamily on a worldwide basis. *Austral Entomology* **55** (4): 392–422.
- Namyatova A. A., Cassis G. 2019. First record of the subfamily Psallopinae (Heteroptera: Miridae) from Australia and discussion of its systematic position and diagnostic characters. *Austral Entomology* **58** (1): 156–170.
- Namyatova A. A., Contos P., Cassis G. 2019. New species, taxonomy, phylogeny, and distribution of the tropical tribe Bothriomirini (Insecta: Heteroptera: Miridae: Cylapinae). *Insect Systematics & Evolution* **50** (1): 1–64.
- Namyatova A. A., Konstantinov F. V. 2009. Revision of the genus *Orthocephalus* Fieber, 1858 (Hemiptera: Heteroptera: Miridae: Orthotylinae). *Zootaxa* **2316**: 1–118.
- Namyatova A. A., Konstantinov F. V., Cassis G. 2016. Phylogeny and systematics of the subfamily Bryocorinae based on morphology with emphasis on the tribe Dicyphini sensu Schuh. *Systematic Entomology* **41** (1): 3–40.
- Novotny V., Miller S. E., Basset Y., Cizek L., Drozd P., Darrow K., Leps J. 2002. Predictably simple: assemblages of caterpillars (Lepidoptera) feeding on rainforest trees in Papua New Guinea. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences* **269** (1507): 2337–2344.
- Ødegaard F., Diserud O. H., Østbye K. 2005. The importance of plant relatedness for host utilization among phytophagous insects. *Ecology Letters* **8** (6): 612–617.

- Peccoud J., Simon J. C., von Dohlen C., Coeur d'acier A., Plantegenest M., Vanlerberghe-Masutti F., Joussetin E. 2010. Evolutionary history of aphid-plant associations and their role in aphid diversification. *Comptes Rendus Biologies* **333** (6–7): 474–487.
- Peterson A. T., Knapp S., Guralnick R., Soberón J., Holder M. T. 2010. The big questions for biodiversity informatics. *Systematics and Biodiversity* **8** (2): 159–168.
- Ryabushkina N., Gemedjieva N., Kobaisy M., Cantrell C. L. 2008. Brief review of Kazakhstan flora and use of its wild species. *The Asian and Australian Journal of Plant Science and Biotechnology* **2** (2): 64–71.
- Schuh R. T. 1995. *Plant Bugs of the World (Insecta, Heteroptera, Miridae)*. New York: New York Entomological Society, p. 1329.
- Schuh R. T. 2001. Revision of New World *Plagiognathus* Fieber, with comments on the Palearctic fauna and the description of a new genus (Heteroptera: Miridae: Phylinae). *Bulletin of the American Museum of Natural History* **266**: 1–267.
- Schuh R. T. 2012. Integrating specimen databases and revisionary systematics. *ZooKeys* **209**: 255–267.
- Schuh R. T. [Интернет документ] 2002–2013. On-line systematic catalog of plant bugs (Insecta: Heteroptera: Miridae) [URL: [http:// research.amnh.org/pbi/catalog/](http://research.amnh.org/pbi/catalog/)]
- Schuh R. T., Lindsog P., Kerzhner I. M. 1995. *Europiella* Reuter (Heteroptera: Miridae): recognition as a Holarctic group, notes on synonymy, and description of a new species, *Europiella carvalhoi*, from North America. *Proceedings of the Entomological Society of Washington* **97**: 379–395.
- Schuh R. T., Hewson-Smith S., Ascher J. S. 2010. Specimen databases: A case study in entomology using Web-based software. *American Entomologist* **56**: 206–216.
- Scotland R. W., Wortley A. H. 2003. How many species of seed plants are there? *Taxon* **52** (1): 101–104.
- Short A. E. Z., Dikow T., Moreau C. S. 2018. Entomological collections in the age of big data. *Annual Review of Entomology* **63**: 513–530.
- Sikes D. S., Copas K., Hirsch T., Longino J. T., Schigel D. 2016. On natural history collections, digitized and not: a response to Ferro and Flick. *ZooKeys* **618**: 145–158.
- Soltis D. E., Soltis P. S. 2016. Mobilizing and integrating big data in studies of spatial and phylogenetic patterns of biodiversity. *Plant Diversity* **38** (6): 264–270.
- Ströbel B., Schmelzle S., Blüthgen N., Heethoff M. 2018. An automated device for the digitization and 3D modelling of insects, combining extended-depth-of-field and all-side multi-view imaging. *ZooKeys* **759**: 1–27.
- Štys P. 1985. New genus of Palaearctic Bryocorinae related to Afrotropical *Rhodocoris* (Heteroptera, Miridae). *Acta Entomologica Bohemoslovaca* **82**: 407–425.
- Symonds C. L., Cassis G. 2018. Systematics and analysis of the radiation of Orthotylini plant bugs associated with Callitroid conifers in Australia: Description of five new genera and 32 new species (Heteroptera: Miridae: Orthotylinae). *Bulletin of the American Museum of Natural History* **2018** (422): 1–227.
- Urgamal M., Oyuntsetseg B., Nyambayar D. 2013. Synopsis and recent additions to the flora of Mongolia. *Proceedings of the Mongolian Academy of Sciences* **25**: 53–72.
- Vollmar A., Macklin J. A., Ford L. 2010. Natural history specimen digitization: challenges and concerns. *Biodiversity Informatics* **7** (2): 93–112.
- Wang H., Moore M. J., Soltis P. S., Bell C. D., Brockington S. F., Alexandre R., Davis C. C., Latvis M., Manchester S. R., Soltis D. E. 2009. Rosid radiation and the rapid rise of angiosperm-dominated forests. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **106** (10): 3853–3858.
- Wen J., Ickert-Bond S. M., Appelhans M. S., Dorr L. J., Funk V. A. 2015. Collections-based systematics: Opportunities and outlook for 2050. *Journal of Systematics and Evolution* **53** (6): 477–488.
- Wheeler, A. G. 2001. *Biology of the plant bugs (Hemiptera: Miridae): pests, predators, opportunists*. Ithaca and London: Cornell University Press, p. 507.
- Wheeler Q. D. 2007. Invertebrate systematics or spineless taxonomy? *Zootaxa* **1668** (1): 11–18.
- Winkler I. S., Mitter C. 2008. The phylogenetic dimension of insect-plant interactions: a review of recent evidence. In: K. Tilmon (ed.). *Specialization, Speciation, and Radiation: the Evolutionary Biology of Herbivorous Insects*. Oakland, California: University of California Press, pp. 240–263.
- Yasunaga T. 2000. The mirid subfamily Cylapinae (Heteroptera: Miridae), or fungal inhabiting plant bugs in Japan. *Tijdschrift voor Entomologie* **143** (1–2): 183–209.
- Zhang M., Fritsch P. W., Cruz B. C. 2009. Phylogeny of *Caragana* (Fabaceae) based on DNA sequence data from rbcL, trnS–trnG, and ITS. *Molecular Phylogenetics and Evolution* **50** (3): 547–559.

# TAXONOMIC REVISIONS AND SPECIMEN DATABASES IN THE INTERNET AGE: DEALING WITH A SPECIES RICH INSECT TAXON

F. V. Konstantinov, A. A. Namyatova

*Key words:* databases, entomological collections, systematics, cybertaxonomy, revisions, biogeography, trophic associations.

## SUMMARY

World entomological collections were formed during over three centuries of sampling and research. These collections provide the only direct documentation of the distribution and natural history of insects, being integral to our efforts to understand biodiversity. However, a substantial part of the world holdings remains not catalogued and, therefore, inaccessible for comprehensive analysis. Taxonomic revision of any particular plant or animal group implies a detailed synthesis of all available information, a task that may take full advantage of all the new web-based technologies and databases. Arthropod Easy Capture specimen relational database (AEC) provides convenient way for assembling and integrating specimen information. Long-term experience of integration AEC specimen technology into our revisionary project workflows illustrates the benefits of such approach resulting, among other things, in minimization of time required for data-capture, straightforward producing of distributional maps, integration of host data, and offers easy access of other researchers to primary data. The specimen database may also be a powerful tool for biogeography and coevolution studies.